

Appendix I: Alignment of instant SEQ ID NO: 2 and GenBank Accession No. XM\_051900

BLASTN 2.2.22+

Reference: Zheng Zhang, Scott Schwartz, Lukas Wagner, and Webb Miller (2000), "A greedy algorithm for aligning DNA sequences", J Comput Biol 2000; 7(1-2):203-14.

RID: SK5US79Y114

Query= SID\_2

Length=3356

Sequences producing significant alignments:	Score (Bits)	E Value
ref XM_051900.1  Homo sapiens prostaglandin-endoperoxide synt...	6198	0.0

#### ALIGNMENTS

>ref|XM\_051900.1| Homo sapiens prostaglandin-endoperoxide synthase 2 (prostaglandin G/H synthase and cyclooxygenase) (PTGS2), mRNA  
Length=3356

Score = 6198 bits (3356), Expect = 0.0

Identities = 3356/3356 (100%), Gaps = 0/3356 (0%)

Strand=Plus/Plus

Query	1	GTCCAGGAACTCCTCAGCAGCGCCTCCTTCAGCTCCACAGCCAGACGCCCTCAGACAGCA	60
Sbjct	1	GTCCAGGAACTCCTCAGCAGCGCCTCCTTCAGCTCCACAGCCAGACGCCCTCAGACAGCA	60
Query	61	AAGCCTACCCCGCGCCGCGCCCTGCCCGCCGCTGCGATGCTCGCCCGCGCCCTGCTGCT	120
Sbjct	61	AAGCCTACCCCGCGCCGCGCCCTGCCCGCCGCTGCGATGCTCGCCCGCGCCCTGCTGCT	120
Query	121	GTGCGCGGTCTTGGCGCTCAGCCATACAGCAAAATCCTTGCTGTTCCCAACCATGTCAAAA	180
Sbjct	121	GTGCGCGGTCTTGGCGCTCAGCCATACAGCAAAATCCTTGCTGTTCCCAACCATGTCAAAA	180
Query	181	CCGAGGTGATATGATGAGTGTGGGATTTGACCAAGTATAAGTGCAGATTGTACCCGGACAGG	240
Sbjct	181	CCGAGGTGATATGATGAGTGTGGGATTTGACCAAGTATAAGTGCAGATTGTACCCGGACAGG	240
Query	241	ATTCTATGAGAGAAAAGTCTCAACACCCGGAATTTTGGACAAGAATAAAATTATTCTGAA	300
Sbjct	241	ATTCTATGAGAGAAAAGTCTCAACACCCGGAATTTTGGACAAGAATAAAATTATTCTGAA	300
Query	301	ACCCACTCCAAACACAGTGCCTACATCTTACCCACTTCAAGGGATTTTGGAACGTTGT	360
Sbjct	301	ACCCACTCCAAACACAGTGCCTACATCTTACCCACTTCAAGGGATTTTGGAACGTTGT	360
Query	361	GAATAACATTCCCTTCCTTCGAAATGCAATTATGAGTTATGTTGACATCCAGATCACA	420
Sbjct	361	GAATAACATTCCCTTCCTTCGAAATGCAATTATGAGTTATGTTGACATCCAGATCACA	420
Query	421	TTTGATTGACAGTCCACCAACTTACAATGCTGACTATGGCTACAAAAGCTGGGAAGCCTT	480
Sbjct	421	TTTGATTGACAGTCCACCAACTTACAATGCTGACTATGGCTACAAAAGCTGGGAAGCCTT	480
Query	481	CTCTAACCTCTCCTATTATACTAGAGCCCTTCCTCTGTGCTGATGATTGCCCGACTCC	540



Sbjct	1381	 CGCAGTACAGAAAGTATCACAGGCTTCCATTGACCAGAGCAGGCAGATGAAATACCAAGTC	1440
Query	1441	TTTTAATGAGTACCGCAAACGCITTATGCTGAAGCCCTATGAATCATTTGAAGAAGTTAC	1500
Sbjct	1441	TTTTAATGAGTACCGCAAACGCITTATGCTGAAGCCCTATGAATCATTTGAAGAAGTTAC	1500
Query	1501	AGGAGAAAAGGAAATGTCTGCAGAGTTGGAAGCACTCTATGGTGACATCGATGCTGTGGA	1560
Sbjct	1501	AGGAGAAAAGGAAATGTCTGCAGAGTTGGAAGCACTCTATGGTGACATCGATGCTGTGGA	1560
Query	1561	GCTGTATCCTGCCCTTCTGCTAGAAAAGCCTCGGCCAGATGCCATCTTTGGTGAAACCAT	1620
Sbjct	1561	GCTGTATCCTGCCCTTCTGCTAGAAAAGCCTCGGCCAGATGCCATCTTTGGTGAAACCAT	1620
Query	1621	GGTAGAAGTTGGAGCACCATTCTCCTTGAAAGGACTTATGGGTAATGTTATATGTTCTCC	1680
Sbjct	1621	GGTAGAAGTTGGAGCACCATTCTCCTTGAAAGGACTTATGGGTAATGTTATATGTTCTCC	1680
Query	1681	TGCCTACTGGAAGCCAAGCACTTTTGGTGGAGAAGTGGGTTTTCAAATCATCAACACTGC	1740
Sbjct	1681	TGCCTACTGGAAGCCAAGCACTTTTGGTGGAGAAGTGGGTTTTCAAATCATCAACACTGC	1740
Query	1741	CTCAATTGAGTCTCTCATCTGCAATAACGTGAAGGGCTGTCCTTTACTTCATTGAGTGT	1800
Sbjct	1741	CTCAATTGAGTCTCTCATCTGCAATAACGTGAAGGGCTGTCCTTTACTTCATTGAGTGT	1800
Query	1801	TCCAGATCCAGAGCTCATTAACAGTCACCATCAATGCAAGTTCTTCCCGCTCCGGACT	1860
Sbjct	1801	TCCAGATCCAGAGCTCATTAACAGTCACCATCAATGCAAGTTCTTCCCGCTCCGGACT	1860
Query	1861	AGATGATATCAATCCCAAGTACTACTAAAAGAACGTTGCTGAACTGTAGAAGTCTAA	1920
Sbjct	1861	AGATGATATCAATCCCAAGTACTACTAAAAGAACGTTGCTGAACTGTAGAAGTCTAA	1920
Query	1921	TGATCATATTTATTTATTTATATGAACCATGTCTATTAATTTAATTTAATAATATTT	1980
Sbjct	1921	TGATCATATTTATTTATTTATATGAACCATGTCTATTAATTTAATTTAATAATATTT	1980
Query	1981	ATATTAACTCCTTATGTTACTTAAACATCTTCTGTAACAGAAGTCAGTACTCCTGTTGCG	2040
Sbjct	1981	ATATTAACTCCTTATGTTACTTAAACATCTTCTGTAACAGAAGTCAGTACTCCTGTTGCG	2040
Query	2041	GAGAAAGGAGTCATACTTGTGAAGACTTTTATGTCACCTACTCTAAAGATTTTGTGTTGC	2100
Sbjct	2041	GAGAAAGGAGTCATACTTGTGAAGACTTTTATGTCACCTACTCTAAAGATTTTGTGTTGC	2100
Query	2101	TGTTAAGTTTGAAAACAGTTTTTATTCTGTTTTATAAACAGAGAGAAATGAGTTTTGA	2160
Sbjct	2101	TGTTAAGTTTGAAAACAGTTTTTATTCTGTTTTATAAACAGAGAGAAATGAGTTTTGA	2160
Query	2161	CGTCTTTTACTTGAATTTCAACTTATATATAAGAACGAAAGTAAAGATGTTTGAATAC	2220
Sbjct	2161	CGTCTTTTACTTGAATTTCAACTTATATATAAGAACGAAAGTAAAGATGTTTGAATAC	2220
Query	2221	TTAAACACTGTGACAAGATGGCAAAATGCTGAAAGTTTTTACACTGTGCGATGTTTCCAAT	2280
Sbjct	2221	TTAAACACTGTGACAAGATGGCAAAATGCTGAAAGTTTTTACACTGTGCGATGTTTCCAAT	2280
Query	2281	GCATCTTCCATGATGCATTAGAAGTAACATAATGTTTGAATTTTAAAGTACTTTTGGTTA	2340

Sbjct	2281	 GCATCTTCATGATGCATTAGAAGTAACATAATGTTTGAAATTTTAAAGTACTTTTGGTTA	2340
Query	2341	TTTTCTGTCATCAAAACAAAAACAGGTATCAGTGCATTATTAATGAATATTTAAATTAG	2400
Sbjct	2341	TTTTCTGTCATCAAAACAAAAACAGGTATCAGTGCATTATTAATGAATATTTAAATTAG	2400
Query	2401	ACATTACCAGTAATTCATGTCTACTTTTTTAAATCAGCAATGAACAATAATTGAAAT	2460
Sbjct	2401	ACATTACCAGTAATTCATGTCTACTTTTTTAAATCAGCAATGAACAATAATTGAAAT	2460
Query	2461	TTCTAAATTCATAGGGTAGAATCACCTGTAAAAGCTTGTGATTCTTAAAGTTATTAA	2520
Sbjct	2461	TTCTAAATTCATAGGGTAGAATCACCTGTAAAAGCTTGTGATTCTTAAAGTTATTAA	2520
Query	2521	ACTTGTACATATACAAAAAGAAGCTGTCTTGGATTTAAATCTGTAAATCAGTAGAAAT	2580
Sbjct	2521	ACTTGTACATATACAAAAAGAAGCTGTCTTGGATTTAAATCTGTAAATCAGTAGAAAT	2580
Query	2581	TTTACTACAATGCTTGTAAAAATATTTTATAAGTGATGTTCCTTTTTACCAAGAGTAT	2640
Sbjct	2581	TTTACTACAATGCTTGTAAAAATATTTTATAAGTGATGTTCCTTTTTACCAAGAGTAT	2640
Query	2641	AAACCTTTTTAGTGTGACTGTTAAACTTCCTTTTAAATCAAATGCCAAATTTATTAAG	2700
Sbjct	2641	AAACCTTTTTAGTGTGACTGTTAAACTTCCTTTTAAATCAAATGCCAAATTTATTAAG	2700
Query	2701	GTGGTGGAGCCACTGCAGTGTTATCTTAAATAAGAATATTTTGTGAGATATCCAGAA	2760
Sbjct	2701	GTGGTGGAGCCACTGCAGTGTTATCTTAAATAAGAATATTTTGTGAGATATCCAGAA	2760
Query	2761	TTTGTTTATATGGCTGGTAACATGTAATACTATATCAGCAAAAGGGTCTACCTTTAAAA	2820
Sbjct	2761	TTTGTTTATATGGCTGGTAACATGTAATACTATATCAGCAAAAGGGTCTACCTTTAAAA	2820
Query	2821	TAAGCAATAACAAAGAAGAAAAACAAATTATTGTTCAAATTTAGGTTTAACTTTTGAAG	2880
Sbjct	2821	TAAGCAATAACAAAGAAGAAAAACAAATTATTGTTCAAATTTAGGTTTAACTTTTGAAG	2880
Query	2881	CAAACCTTTTTTTATCCTTGTGCACTGCAGGCCTGGTACTCAGATTTTGTCTATGAGGTTA	2940
Sbjct	2881	CAAACCTTTTTTTATCCTTGTGCACTGCAGGCCTGGTACTCAGATTTTGTCTATGAGGTTA	2940
Query	2941	ATGAAGTACCAAGCTGTGCTTGAATAATGATATGTTTCTCAGATTTTCTGTTGTACAGT	3000
Sbjct	2941	ATGAAGTACCAAGCTGTGCTTGAATAATGATATGTTTCTCAGATTTTCTGTTGTACAGT	3000
Query	3001	TTAATTTAGCAGTCCATATCACATTGCAAAAGTAGCAATGACCTCATAAAATACCTCTTC	3060
Sbjct	3001	TTAATTTAGCAGTCCATATCACATTGCAAAAGTAGCAATGACCTCATAAAATACCTCTTC	3060
Query	3061	AAAAATGCTTAAATTCATTTACACATTAATTTTATCTCAGTCTTGAAGCCAATTCAGTAG	3120
Sbjct	3061	AAAAATGCTTAAATTCATTTACACATTAATTTTATCTCAGTCTTGAAGCCAATTCAGTAG	3120
Query	3121	GTGCATTGGAATCAAGCCTGGCTACCTGCATGCTGTTCTCTTTCTTTCTTTTAGCC	3180
Sbjct	3121	GTGCATTGGAATCAAGCCTGGCTACCTGCATGCTGTTCTCTTTCTTTCTTTTAGCC	3180
Query	3181	ATTTTGTCTAAGAGACACAGTCTTCTCATCACTTCGTTTCTCTATTTTGTTTTACTAGTT	3240

```

Sbjct  3181  |||
          ATTTTGCTAAGAGACACAGTCTTCTCATCACTTCGTTTCTCCTATTTTGTTTTACTAGTT 3240

Query   3241  TTAAGATCAGAGTTCACCTTTCTTTGGACTCTGCCTATATTTTCTTACCTGAACCTTTTGCA 3300
          |||
Sbjct   3241  TTAAGATCAGAGTTCACCTTTCTTTGGACTCTGCCTATATTTTCTTACCTGAACCTTTTGCA 3300

Query   3301  AGTTTTTCAGGTAAACCTCAGCTCAGGACTGCTATTTAGCTCCTCTTAAGAAGATTA 3356
          |||
Sbjct   3301  AGTTTTTCAGGTAAACCTCAGCTCAGGACTGCTATTTAGCTCCTCTTAAGAAGATTA 3356

```